

Partitionner la diversité bêta en écologie et en génétique du paysage

Pierre Legendre

Département de sciences biologiques, Université de Montréal, Canada

Résumé

La diversité bêta est la variation de la composition en espèces entre les sites dans une région géographique donnée. On peut la mesurer de différentes façons. Parmi les équations disponibles, la variance totale du tableau de communauté $\mathbf{Y}$ estime correctement la diversité bêta des données. Nous montrerons que la variance totale de $\mathbf{Y}$ peut être calculée directement, ou encore à travers une matrice de dissimilarité écologique. Cette mesure peut être généralisée à toute forme de dissimilarité utilisée en écologie des communautés.

Pour découvrir quelles fonctions de dissimilarité peuvent être utiles dans les études de diversité bêta, nous avons étudié 14 propriétés statistiques de 16 indices de dissimilarité couramment utilisés par les écologistes. Cette analyse montre l'existence de cinq groupes d'indices ; trois de ces groupes totalisant 11 indices sont adéquats pour les études de diversité bêta.

La variance totale de $\mathbf{Y}$ relie le concept de diversité bêta aux analyses de données de communautés par les méthodes usuelles telles que l'ordination et l'analyse de variance. La diversité bêta peut être partitionnée en contributions des sites (les indices LCBD sont des indicateurs comparatifs de l'unicité des sites) et contribution des espèces à la diversité bêta (les indices SCBD mesurent la variance des espèces individuelles). Les indices LCBD peuvent être testés statistiquement. Des valeurs élevées de LCBD identifient les sites qui ont une composition spéciale en espèces et donc une forte valeur de conservation, ou des sites dégradés qui ont besoin d'être restaurés. La diversité bêta peut également être partitionnée en variation intragroupe et intergroupe par analyse de variance multivariable (MANOVA), en axes orthogonaux par ordination, en différentes échelles spatiales par analyse des vecteurs propres spatiaux, ou entre plusieurs tableaux de données explicatives par partition de la variation.

Les indices LCBD peuvent aussi être calculés pour des données génétiques, par l'entremise des distances génétiques, dans les études de génétique du paysage.

Des fonctions R pour le calcul des nouveaux indices sont disponibles sur la page Web <http://adn.biol.umontreal.ca/~numerica/ecology/FonctionsR/>.

Références

- Legendre, P. and M. De Cáceres. 2013. Beta diversity as the variance of community data: dissimilarity coefficients and partitioning. *Ecology Letters* 16: 951-963.
- Legendre, P. 2014. Interpreting the replacement and richness difference components of beta diversity. *Global Ecology and Biogeography* 23: 1324-1334.

Nouveaux développements en analyse spatiale des communautés écologiques: les fonctions spatiales propres

Pierre Legendre

Département de sciences biologiques, Université de Montréal, Canada

Résumé

Les fonctions spatiales propres forment une nouvelle famille de méthodes pour l'analyse spatiale multi-échelle de données univariables ou multivariables. Pour l'analyse des communautés d'espèces en écologie, l'analyse peut porter sur des variables-synthèse comme la richesse en espèces à différents sites d'étude ou encore, directement, sur les données multi-espèces de composition des communautés.

Je décrirai d'abord les processus qui produisent des structures spatiales dans les communautés d'espèces. Je décrirai ensuite les cartes de vecteurs propres de Moran (méthode des *Moran's Eigenvector Maps*, MEM), puis les généralisations qu'il est possible de formuler.

Je décrirai enfin les cartes de vecteurs propres asymétriques (*Asymmetric Eigenvector Maps*, AEM) utilisées pour décrire l'effet sur les communautés d'espèces de processus physiques directionnels comme les courants ou les réseaux hydrographiques. Je présenterai plusieurs exemples d'application de ces méthodes. Des fonctions R permettent leur mise en oeuvre pour analyser des données.

Chapitres de synthèse

Borcard, D., F. Gillet and P. Legendre. 2011. Eigenvector-based spatial variables and spatial modelling. Section 7.4 in: *Numerical ecology with R*. Use R! series, Springer Science, New York.

Legendre, P. and L. Legendre. 2012. Multiscale analysis: spatial eigenfunctions. Chapter 14 in: *Numerical ecology*, 3rd English edition. Elsevier Science BV, Amsterdam.

Suivi spatio-temporel des écosystèmes : tester l'interaction espace-temps pour identifier les impacts sur les communautés

Pierre Legendre

Département de sciences biologiques, Université de Montréal, Canada

Résumé

La surveillance des écosystèmes implique des suivis au cours du temps (T). À chaque mission, le même plan d'échantillonnage spatial (S) est appliqué. Ces échantillonnages se font habituellement sans réplication spatiale; cela permet de maximiser la couverture spatiale. La statistique classique veut que dans de tels cas, on ne puisse pas tester l'interaction S-T. Or l'interaction est très intéressante, en particulier dans le cadre des études sur le changement climatique: si la structure spatiale des données change au cours des années, cela signifie que le climat modifie de façon importante l'écosystème à l'étude. Cela se manifesterait par une interaction S-T, mais nous ne pouvons pas la tester à moins de disposer de réplication...

Nous avons trouvé le moyen de tester l'interaction S-T en l'absence de réplication. La méthode fonctionne pour des données multivariées (assemblages d'espèces) aussi bien que pour l'analyse d'une seule variable-réponse. Le séminaire présentera d'abord la théorie sous-jacente à cette méthode, puis les résultats de simulations numériques montrant que les tests statistiques ont une erreur de type I correcte. Une application de la méthode sera également présentée. D'autres applications à des études concrètes seront mentionnées.

Référence

Legendre, P., M. De Cáceres, and D. Borcard. 2010. Community surveys through space and time: testing the space-time interaction in the absence of replication. *Ecology* 91: 262-272.

Le test de Mantel est-il utile en analyse spatiale, en écologie et en génétique?

Pierre Legendre

Département de sciences biologiques, Université de Montréal, Canada

Résumé

Le test de Mantel est largement utilisé en écologie et en génétique du paysage pour détecter la présence de structures spatiales dans les données ou pour contrôler pour la corrélation spatiale dans l'étude de la corrélation entre deux tableaux, par exemple la composition des communautés et l'environnement. Nous montrerons que cette utilisation du test de Mantel est incorrecte.

L'hypothèse nulle du test de Mantel diffère de celle de la corrélation ; les statistiques calculées dans les deux cas sont différentes. Nous examinerons les suppositions de base du test de Mantel et montrerons qu'elles ne sont pas vérifiées dans la majorité des études. Nous démontrerons ensuite les conséquences de ce problème sur la puissance du test de Mantel.

Le test de Mantel teste l'absence de corrélation (H_0) entre deux matrices de dissimilarité et non l'indépendance de deux variables aléatoires ou de deux tableaux de données. Nous montrerons que le R^2 de Mantel diffère du R^2 de la corrélation, de la régression et de l'analyse canonique, ces deux statistiques étant irréductibles. Nous montrerons à l'aide de données simulées que les suppositions de linéarité et d'homoscédasticité du test de Mantel (H_1 : de faibles valeurs de D_1 correspondent à de faibles valeurs de D_2 , et réciproquement pour les grandes valeurs) ne tiennent pas dans la majorité des cas, sauf si la corrélation spatiale s'étend au-delà de la région à l'étude. Enfin, nous simulerons des données spatialement autocorrélées pour montrer que la puissance statistique du test de Mantel est toujours bien inférieure à celle de l'analyse par cartes de vecteurs propres de Moran (méthode MEM). Le R^2 de Mantel est toujours inférieur au R^2 de l'analyse MEM et il n'est pas interprétable.

Notre conclusion principale est que le test de Mantel devrait seulement être utilisé pour répondre à des questions qui ne portent que sur les matrices de dissimilarité. Sont exclues les questions dérivées de questions primaires qui peuvent être formulées dans le monde des tableaux de données brutes, tableaux à partir desquels on pourrait calculer des matrices de dissimilarité.

Références

Legendre, P. 2000. Comparison of permutation methods for the partial correlation and partial Mantel tests. *Journal of Statistical Computation and Simulation* 67: 37-73.

Legendre, P., D. Borcard and P. R. Peres-Neto. 2005. Analyzing beta diversity: partitioning the spatial variation of community composition data. *Ecological Monographs* 75: 435-450.

Legendre, P. and M.-J. Fortin. 2010. Comparison of the Mantel test and alternative approaches for detecting complex multivariate relationships in the spatial analysis of genetic data. *Molecular Ecology Resources* 10: 831-844.

Legendre, P., M.-J. Fortin & D. Borcard. xxxx. Should the Mantel test be used in spatial analysis? *Methods in Ecology and Evolution* (submitted paper).